

# DNA FRAGMENT CONTAINING GENE CAPABLE OF CODING BIOTIN SYNTHETASE AND ITS UTILIZATION

[71] Applicant: MITSUBISHI  
PETROCHEM CO LTD

[72] Inventors: HATAKEYAMA KAZUHISA;  
KOHAMA KEIKO;  
HOSOGANE MAYUMI;  
KOBAYASHI MIKI ...

[21] Application No.: JP03062563

[22] Filed: 19910304

[43] Published: 19921002

Figure 1 consists of three separate line graphs, labeled (a), (b), and (c), each plotting the number of species (Sp.) on the y-axis against the number of individuals (Ind.) on the x-axis. The x-axis for all three graphs is labeled 'Ind.' and has numerical markers at 1934.5, 1971.0, and 1977.1.7. The y-axis for all three graphs is labeled 'Sp.' and has numerical markers at 100, 200, 300, and 400. Each graph contains a single data series represented by a line with square markers. In graph (a), the line starts at approximately (1934.5, 100), rises to (1971.0, 200), and then drops sharply to (1977.1.7, 100). In graph (b), the line starts at approximately (1934.5, 100), rises to (1971.0, 200), and then rises again to (1977.1.7, 300). In graph (c), the line starts at approximately (1934.5, 100), rises to (1971.0, 200), and then rises sharply to (1977.1.7, 400).

[Go to Fulltext](#)

**[57] Abstract:**

**PURPOSE:** To provide a method for analyzing and isolating a gene participating in biosynthesis of biotin in a coryneform bacterium, transducing the aforementioned gene into a coryneform bacterium of the same species and efficiently obtaining the aforementioned genetic product from the coryneform bacterium. **CONSTITUTION:** A DNA fragment containing a gene capable of coding biotin synthetase is isolated from a strain of *Brevibacterium flavum* MJ-233 and the base sequence of the resultant gene is determined. The biotin synthetase is highly produced by the *Brevibacterium flavum* MJ-233 transformed with a plasmid capable of replicating and proliferating in a coryneform bacterium into which the DNA fragment containing the gene capable of coding the aforementioned biotin synthetase is introduced. **COPYRIGHT:** (C)1992, JPO&Japio

[51] Int'l Class: C12N01552 C12N00121 C12N00900 C12N01577  
C12N01552 C12R00113 C12N01552 C12R00115 C12N00121 C12R00113  
C12N00121 C12R00115 C12N00900 C12R00113 C12N00900 C12R00115

(19)日本国特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平4-278088

(43)公開日 平成4年(1992)10月2日

(51) Int.Cl. <sup>5</sup> C 12 N 15/52 1/21 9/00 15/77	識別記号 Z NA	序内整理番号 7236-4B 7823-4B	F I	技術表示箇所
		8828-4B	C 12 N 15/00	A
審査請求 未請求 請求項の数10(全 20 頁) 最終頁に続く				

(21)出願番号 特願平3-62563	(71)出願人 000006057 三菱油化株式会社 東京都千代田区丸の内二丁目5番2号
(22)出願日 平成3年(1991)3月4日	(72)発明者 畠山 和久 茨城県稻敷郡阿見町中央8丁目3番1号三 菱油化株式会社筑波総合研究所内
	(72)発明者 小浜 恵子 茨城県稻敷郡阿見町中央8丁目3番1号三 菱油化株式会社筑波総合研究所内
	(72)発明者 細金 真由美 茨城県稻敷郡阿見町中央8丁目3番1号三 菱油化株式会社筑波総合研究所内
	(74)代理人 弁理士 小田島 平吉 (外1名) 最終頁に続く

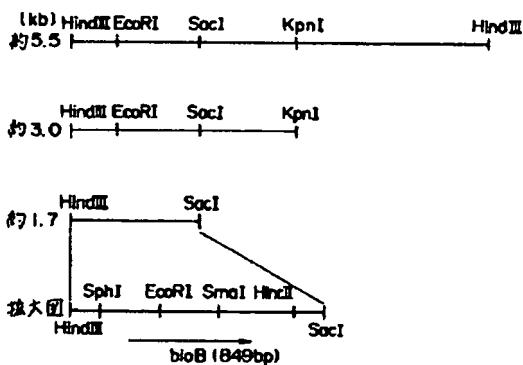
(54)【発明の名称】 ピオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片およびその利用

(57)【要約】 (修正有)

【目的】 コリネ型細菌のピオチン合成に関与する遺伝子を解析・単離し、該遺伝子を同種であるコリネ型細菌に導入し、該遺伝子産物を効率的にコリネ型細菌から取得する方法の提供。

【構成】 プレビパクテリウム・フラバムMJ-233株からピオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を単離し、この遺伝子の塩基配列を決定した。

【効果】 上記ピオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を導入したコリネ型細菌内で複製増殖可能なプラスミドで形質転換されたプレビパクテリウム・フラバムMJ-233は、ピオチンシンセターゼを高産生した。



1

2

## 【特許請求の範囲】

【請求項1】 コリネ型細菌由来のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片。

【請求項2】 コリネ型細菌がビオチン要求性の菌株である請求項1記載のDNA断片。

【請求項3】 ビオチン要求性のコリネ型細菌がブレビ

バクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) M\*

```

ATGACAAATCC CCGCCACCAT CCTTGACACC GCGGGCACCC AAGTTCCTGA ACAGGGAAATT 60
GGCCTTAACTC AGCAGCAGTT GATGGAGGTT CTCACCTTGC CTGAAGAGCA AATCCCAAGAC 120
TTGATGGAAT TAGCCCACCA GGTTCGGTIG AAGTGGTGTG GAGAGGAAAT CGAGGTAGG 180
GGCAATTAACTT CCCTCAAAAC TGGCGGTIGC CCTGAGAGATT GCGATTTCTG CTCAAGTCT 240
GGGTTCGGTIG AATCGCCCGT GGCCTTCGGTIG TGGCTGGATA TICCGAATCT GGTGAAAGCC 300
GCTAAACAGG CGCGCAAAAC TGGCGCTACC GAATTCGATT TCGTCCCCCG AGTCAGGGG 360
CCTGATGAGA GGCCTCATGAC CGAAGCTGGAG GAAACAGTCC TCGCGATTCGA CTCTGAAAGTT 420
GAAATTGAAAG TCGCAGCATC EATCGGAAGG TTAATAAGG AACAGGTGGA TCGCCCTCGCT 480
GCTGGCGGGCG TGCACCCGCTA CAACCATAATG TTGGAATCTG CGCGTTCCTA TTYCCCTGAA 540
GTTGTCACCA CTCATACATG GGAAGAGGCC CGCGAAACTT TCGCCCTGGT GGCAGAACT 600
GGAATGAAAG TCTGTTCCGG CGGAATCTTA GGAAATGGCGG AAACCTTTAGA GCAGGGGCC 660
GAGTTTGGCG TCCAGGCTGGC GGAGCTGTAT CCCGACGAAG TCCCCATGAA CTTCCTGAT 720
CTCTGGCCGG AGAACCCCAT TGGCGATAGG AATGATGGA CAGCCGTGAC GCTCTGGCC 780
CATATTCGGTG CGGTCCGGCT TCGGATGCGCT CACACCATGC TCGTTTTCG TGGCGGTGCG 840
GAGCTGACTT TGGGGCGACAA GGTTTCCGGAG CAAGGCCCTGC TGGGAGGCAT CAATGCCATG 900
ATCGTCGGAA ACTACCTGAC CACGGCTGGC CGCCCAATGG AAGATGACTT CGACATGATG 960
GATCGTCTCC AGCTGCCCAT CAAAGTCCTA AATAGGTCA TCTAA 1005

```

【請求項6】 次のアミノ酸配列に表されるビオチンシンセターゼをコードする遺伝子DNA断片。

\* J-233である請求項2記載のDNA断片。

【請求項4】 大きさが約5.5kb、約3.0kbまたは約1.7kbである請求項2記載のDNA断片。

【請求項5】 次のDNA塩基配列で表されるビオチンシンセターゼをコードする遺伝子DNA断片。

【化1】

【化2】

3  
 Met Thr Ile Pro Ala Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Glu Val Leu  
 1 5 10 15  
 Glu Gln Gly Ile Gly Leu Asn Gln Glu Gln Leu Met Glu Val Leu Thr  
 20 25 30  
 Leu Pro Glu Glu Ile Pro Asp Leu Met Gln Leu Ala His Gln Val  
 35 40 45  
 Arg Leu Lys Trp Cys Gly Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser  
 50 55 60  
 Leu Lys Thr Gly Gly Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Glu Ser  
 65 70 75 80  
 Gly Leu Phe Glu Ser Pro Val Ala Ser Val Trp Leu Asp Ile Pro Asp  
 85 90 95  
 Leu Val Glu Ala Ala Lys Glu Thr Ala Lys Thr Gly Ala Thr Glu Phe  
 100 105 110  
 Asp Phe Val Ala Ala Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Glu  
 115 120 125  
 Leu Glu Glu Ala Val Leu Ala Ile His Ser Glu Val Glu Ile Glu Val  
 130 135 140  
 Ala Ala Ser Ile Gly Thr Leu Asn Lys Glu Gln Val Asp Arg Leu Ala  
 145 150 155 160  
 Ala Ala Gly Val His Arg Tyr Asn His Asn Leu Glu Thr Ala Arg Ser  
 165 170 175  
 Tyr Phe Pro Glu Val Val Thr Thr His Thr Trp Glu Glu Arg Arg Glu  
 180 185 190  
 Thr Leu Arg Leu Val Ala Glu Ala Gly Met Glu Val Cys Ser Gly Gly  
 195 200 205  
 Ile Leu Gly Met Glu Glu Thr Leu Glu Gln Arg Ala Glu Phe Ala Val  
 210 215 220  
 Gln Leu Ala Glu Leu Asp Pro Asp Gln Val Pro Met Asp Phe Leu Asp  
 225 230 235 240  
 Pro Arg Pro Gly Thr Pro Phe Ala Asp Arg Asn Val Trp Thr Ala Val  
 245 250 255  
 Thr Leu Trp Pro His Ile Gly Ala Phe Arg Leu Ala Met Pro His Thr  
 260 265 270  
 Met Leu Arg Phe Ala Gly Gly Arg Glu Leu Thr Leu Gly Asp Lys Gly  
 275 280 285  
 Ser Glu Gln Ala Leu Leu Gly Gly Ile Asn Ala Met Ile Val Gly Asn  
 290 295 300  
 Tyr Leu Thr Thr Leu Gly Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met  
 305 310 315 320  
 Asp Arg Leu Glu Leu Pro Ile Lys Val Leu Asn Lys Val Ile  
 325 330

【請求項7】 請求項1～6のいずれかに記載されたDNA断片が導入された組換えプラスミド。

【請求項8】 請求項1～6のいずれかに記載されたDNA断片と、プラスミドpBY503に由来するコリネ型細菌内で複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNA断片及び安定化機能を司る遺伝子を含むDNA断片を保有する組換えプラスミド。

【請求項9】 請求項7～8のいずれかに記載の組換えプラスミドで形質転換されたコリネ型細菌。

【請求項10】 請求項9記載のコリネ型細菌を培養し、培養物中にビオチンシンセターゼを生成せしめるこを特徴とするビオチンシンセターゼの製造法。

【発明の詳細な説明】  
 50 【0001】

【産業上の利用分野】本発明は、ビオチンシンターゼ(すなわちデスチオビオチンからビオチンの生合成反応に関与する酵素)をコードする遺伝子を含むコリネ型細菌由来のDNA断片、該DNA断片を含む組換えプラスミド、該組換えプラスミドで形質転換されたコリネ型細菌及び該コリネ型細菌を用いるビオチンシンセターゼの製造法に関する。

【0002】ビオチンシンセターゼは、ビオチン生合成に関与する酵素の一つであり、ビオチン製造における産業上有用な酵素である。

【0003】またビオチンは、ヒト、動物、植物及びある種の微生物の生育に必要とされるビタミンの1種であり、特に皮膚代謝の調整剤として、あるいはヒトの脱毛防止養毛剤として、あるいは、家畜飼料への添加剤として用いられる有用な物質である。

【0004】従来、微生物を用いたビオチンの製造法としては、バチルス(*Bacillus*)属、エシエリヒア(*Escherichia*)属、アグロバクテリウム(*Agrobacterium*)属、クロモバクテリウム(*Chromobacterium*)属、シュードモナス(*Pseudomonas*)属、アースロバクター(*Arthrobacter*)属等の微生物を用いる方法が知られている(特開昭56-160998号公報)。またこれら野生株に人工的に突然変異を生起させてビオチン生産能を付与する方法も提案されている(例えば H. Yamagata et al., *Agri. Biol. Chem.*, 47, 1611, 1983)。

【0005】しかしながら、微生物を用いてビオチンを製造しようとする場合、野生株はビオチンによる強力なフィードバツク抑制機構のため(Y. Izumi, K. Ogata, *Adv. Appl. Microbiol.*, 22, 155-157, 1977)、ビオチンは極少量しか生成されない。また変異株を用いる方法でも生成量は必ずしも満足し得るものではなかつた。

【0006】また、工業的利用上多くの利点を有するブレビバクテリウム属およびコリネバクテリウム属細菌を含むコリネ型細菌のある種の菌株、例えばブレビバクテリウム・フラバム(*Brevibacterium flavum*) MJ-233、ブレビバクテリウム・ラクトフェルメンタム(*Brevibacterium lactofermentum*) ATCC13869、コリネバクテリウム・グルタミカム(*Corynebacterium glutamicum*) ATCC31831、ブレビバクテリウム・アンモニアゲネス(*Brevibacterium ammoniagenes*) ATCC13745等はビオチン要求性を有しており、ビオチンを全く生産しないことが知られている。

【0007】ビオチンの生合成に関与する遺伝子としては、エシエリヒア・コリ(*Escherichia coli*)由来の遺伝子がよく研究されており、*bioA*、*bioB*、*bioC*、*bioD*、*bioF*、*bioH*遺伝子が存在することが知られている。このうち、*bioA*は7,8-ジアミノペラルゴン酸アミノトランスフェラーゼ、*bioB*はビオチンシンセターゼ、*bioC*はビメリルCoA

シンテターゼ、*bioD*はデスチオビオチンシンテターゼ、*bioF*は7-ケト-8-アミノペラルゴン酸シンテターゼをそれぞれコードすることが知られ、*bioH*については、その働きは、まだ明らかでない(A. J. Otsuka et al., *J. Biol. Chem.*, 263, 19577-19585, 1988)。また、*bioA*、*bioB*、*bioC*、*bioD*、*bioF*遺伝子は*bioABFD*なるオペロンを形成しており、その発現は、*bioA*と*bioB*遺伝子の間に存在するオペレーターにより制御されることがわかつている。また、そのオペレーターの制御は、*bioA*遺伝子にコードされたビオチンリブレツサーが、ビオチンにより活性化されることによりオペレーターに結合し、ビオチン生合成オペロンの発現を抑制することが知られている(*J. Biol. Chem.*, 263, 1013-1016, 1988)。

## 【0008】

【発明が解決しようとする課題】この発明は、コリネ型細菌のビオチン生合成に関与する遺伝子を解析・単離し、該遺伝子を同種であるコリネ型細菌に導入し、該遺伝子産物を効率的にコリネ型細菌から取得することを目的としてなされたものである。

## 【0009】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、上記目的を達成すべく鋭意研究を重ねた。その結果、ビオチン要求性の大腸菌変異株を用いる交差相補性試験により、ビオチン要求性のコリネ型細菌は少くとも*bioB*、*bioA*、*bioD*の3種のビオチン生合成に関与する遺伝子を保有していることが明らかとなり、該遺伝子を適当なベクタープラスミドに導入して、コリネ型細菌を形質転換し、該コリネ型細菌を培養することにより、培養物中に効率的にビオチン生合成に関与する酵素が生成することを見い出し本発明を完成するに至つた。かくして本発明によれば、(1)コリネ型細菌由来のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(*bioB*)を含むDNA断片、(2)該DNA断片が導入された組換えプラスミド、(3)該組換えプラスミドで形質転換されたコリネ型細菌、(4)該コリネ型細菌を培養し、培養物中にビオチンシンセターゼを生成せしめることを特徴とするビオチンシンセターゼの製造法、が提供される。

【0010】以下本発明についてさらに詳細に説明する。本発明の「ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片」(以下これを「*bioB*断片」と略称することがある)は、デスチオビオチンからビオチンへの変換反応を触媒する酵素、すなわちビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(*bioB*)を含むDNA断片である。

【0011】上記*bioB*断片の供給源となる微生物は、コリネ型細菌であれば特に限定されるものではないが、一般的には、ブレビバクテリウム・フラバムMJ-233(FERM BP-1497)およびその由来

株、ブレビバクテリウム・アンモニアゲネス (*Brevibacterium ammoniagenes*) ATCC 6871、同ATCC 13745、同ATCC 13746、ブレビバクテリウム・デバリカタム (*Brevibacterium divaricatum*) ATCC 14020、ブレビバクテリウム・ラクトフアーメンタム (*Brevibacterium lactofermentum*) ATCC 13869、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC 31831等が有利に使用される。

【0012】これらの供給源微生物から *b* *i* *o* *B* 断片を調製するための基本的操作の一例を述べれば次のとおりである。

【0013】すなわち、*b* *i* *o* *B* 断片の調製は、上記コリネ型細菌、例えばブレビバクテリウム・フラバム (*Brevibacterium flavum*) MJ-233 (FERM BP-1497) 株の染色体上に存在し、この染色体を適当な制限酵素で切断することにより生ずる切断断片の中から以下に述べる方法で分離、取得することができる。先ず、ブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 株の培養物から染色体DNAを抽出する。この染色体DNAを適当な制限酵素、例えば *S* *a* *u* 3 *A* I を用いて、DNA断片の大きさが約 20~30 kb になるように部分分解する。

【0014】得られたDNA断片をコスミドベクター、例えば pWE 15 に挿入し、このコスミドを *λ* DNA *i* *n* *vitro* Packaging Kit を用いる形質導入により、*b* *i* *o* *B* の欠損した大腸菌変異株 (*Journal of Bacteriology*, vol 94, p 2065~2066, 1967 および *Journal of Bacteriology* vol 112, p 830~839, 1972 参照) に導入する。この大腸菌変異株を、ビオチンを含まない選択培地に塗沫する。

【0015】得られる形質転換株よりコスミドDNAを抽出し、制限酵素で解析することにより挿入されたブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 株染色体由来の *b* *i* *o* *B* 断片を確認・取得することができる。かくして得られる *b* *i* *o* *B* 断片は、大きさが約 20~30 kb と大きく、実用的ないので、さらに短かい断片に特定化する必要がある。

【0016】次に、上記で得られた *b* *i* *o* *A*、*b* *i* *o* *D* 断片を含むコスミドを適当な制限酵素を用いて切断し、得られるDNA断片を、大腸菌で複製可能なベクタープラスミドに挿入しこのベクタープラスミドを通常用いられる形質転換法、例えば、塩化カルシウム法、電気パルス法による形質転換により、前記 *b* *i* *o* *B* の欠損した大

腸菌変異株に導入し、この大腸菌変異株をビオチンを含まない選択培地に塗沫する。

【0017】得られる形質転換株よりプラスミドDNAを抽出し、制限酵素で解析することにより挿入されたブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 株染色体由来の *b* *i* *o* *B* 断片を確認・取得することができる。

【0018】このようにして得られる *b* *i* *o* *B* 断片の一つは、上記ブレビバクテリウム・フラバム MJ-233 株の染色体DNAを制限酵素 *S* *a* *u* 3 *A* I の部分分解により切り出し、さらにそれを制限酵素 *H* *i* *n* *d* III で切り出すことによつて得られる大きさが約 5.5 kb のDNA断片を挙げることができる。

【0019】この約 5.5 kb のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を、各種の制限酵素で切断したときの認識部位数及び切断断片の大きさを下記表 1 に示す。

【0020】なお、本明細書において、制限酵素による「認識部位数」は、DNA断片又はプラスミドを、過剰の制限酵素の存在下で完全分解し、それらの分解物をそれ自体既知の方法に従い 1% アガロースゲル電気泳動およびポリアクリルアミドゲル電気泳動に供し、分離可能な断片の数から決定した値を採用した。

【0021】また、「切断断片の大きさ」及びプラスミドの大きさは、アガロースゲル電気泳動を用いる場合には、エシエリヒア・コリのラムダフアージ (*λ* phage) のDNAを制限酵素 *H* *i* *n* *d* III で切断して得られる分子量既知のDNA断片の同一アガロースゲル上での泳動距離で描かれる標準線に基づき、また、ポリアクリルアミドゲル電気泳動を用いる場合には、エシエリヒア・コリのフアイ・エツクス 174 フアージ ( $\phi$  *x* 174 phage) のDNAを制限酵素 *H* *a* *e* III で切断して得られる分子量既知のDNA断片の同一ポリアクリルアミドゲル上での泳動距離で描かれる標準線に基づき、切断DNA断片又はプラスミドの各DNA断片の大きさを算出する。プラスミドの大きさは、切断断片それぞれの大きさを加算して求める。なお、各DNA断片の大きさの決定において、1 kb 以上の断片の大きさについては、1% アガロースゲル電気泳動によつて得られる結果を採用し、約 0.1 kb から 1 kb 未満の断片の大きさについては 4% ポリアクリルアミドゲル電気泳動によつて得られる結果を採用した。

【0022】

【表 1】

表 1

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
<i>Kpn</i> I	1	3.0、2.5
<i>Sac</i> I	1	1.7、3.8
<i>EcoR</i> I	1	0.6、4.9

上記表1中、3.0 kbのKpn I 切断断片、1.7 kbの Sac I 切断断片もまたビオチンシンセターゼをコードすることが確認されており、従つてこれらの切断断片もまた、本発明のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片に含まれるものである。

【0023】かくして、ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子は、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233の染色体DNAを制限酵素 Hind III およびKpn I で切り出すことにより得られる大きさが約3.0 kbのDNA断片、および同染色体DNAを制限酵素 H1\*10

\*nd III および Sac I で切り出すことにより得られる大きさが約1.7 kbのDNA断片中に含まれているものと考えられる。

【0024】上記約3.0 kbのDNA断片および約1.7 kbのDNA断片を、さらに各種の制限酵素で切断したときの認識部位数および切断断片の大きさを、各々下記表2および表3に示す。

【0025】

【表2】

表 2

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
Sac I	1	1.7、 1.3
EcoR I	1	0.6、 2.4

【0026】

【表3】

表 3

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
Sph I	1	0.2、 1.5
EcoR I	1	0.6、 1.1
Sma I	1	1.0、 0.7
Hinc II	1	1.5、 0.2

一方、上記したプレビバクテリウム・フラバムMJ-233の染色体DNAを制限酵素 Hind III および Sac I で切り出すことにより得られる大きさが約1.7 kbのDNA断片については、その塩基配列をプラスミドpUC18またはpUC19を用いるジデオキシヌクレオチド酵素法 (dideoxy chain termination 法) (Sanger, F. et al., Proc. Nat. Acad. Sci. USA 74, 5463, 1977) により決定することができる。こ

のようにして決定した上記約1.7 kbのDNA断片の塩基配列中のオーブンリーディングフレームの存在から決定したビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (b10B) は、次の配列を有しており、334のアミノ酸をコードする1002の塩基対から構成される：

【0027】

【化4】

11 12  
 ATG ACG ATC CCC GCC ACC ATC CTT GAC ACC GCC CGC ACC CAA GTT CTG 48  
 Met Thr Ile Pro Ala Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Glu Val Leu  
 1 5 10 15  
 GAA CAG GGA ATT GCC CTT ATT CAG CAG CAG TTG ATG GAG GTT CTC ACC 96  
 Glu Glu Gly Ile Gly Leu Asp Glu Glu Leu Met Glu Val Leu Thr  
 20 25 30  
 TTG CCT GAA GAG CAA ATC CCA GAC TTG ATG GAA TTA GCC CAC CAG GTT 144  
 Leu Pro Glu Glu Ile Pro Asp Leu Met Glu Leu Ala His Glu Val  
 35 40 45  
 CGG TTG AAG TGG TGT GGA GAG CAA ATC GAG GAA GAC GTC GAG GGC ATT ATT TCC 192  
 Arg Leu Lys Trp Cys Gly Glu Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser  
 50 55 60  
 CTC AAA ACT GGC GGT TGC CCT GAA GAT TGC CAI TTC TGC TCA CAG TCT 240  
 Leu Lys Thr Gly Gly Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Glu Ser  
 65 70 75 80  
 GGC TTG TTT GAA TCG CGG GTG GCT TCG GTG TGG CTG GAT ATT CGG AAT 288  
 Gly Leu Phe Glu Ser Pro Val Ala Ser Val Ile Asp Leu Asp Ile Pro Asn  
 85 90 95  
 CTC GTT GAA GCC CCT AAA CAG ACC GCA AAA ACT GGC GCT ACC GAA TTC 336  
 Leu Val Glu Ala Ala Lys Glu Thr Ala Lys Thr Gly Ile Thr Glu Phe  
 100 105 110  
 GAT TTC GTC GCC GCA GTC AAG GGG CCT GAT GAG AGG CTC ATG ACC CAG 384  
 Asp Phe Val Ala Ala Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Glu  
 115 120 125  
 CTG CAG GAA GCA GTC CTC GCG ATT CAC TCT GAA GTT GAA ATT GAA GTC 432  
 Leu Glu Glu Ala Val Leu Ala Ile His Ser Glu Val Glu Ile Glu Val  
 130 135 140  
 GCA GCA TCG ATC GGA ACG TTA ATT AAG GAA CAG GTG GAT CGC CTC GCT 480  
 Ala Ala Ser Ile Gly Thr Leu Asp Lys Glu Glu Val Ile Arg Leu Ala  
 30 [化5]

[0028]

13 14

145 150 155 160  
GCT GCC GGC GTG CAC CGC TAC AAC CAT ATT TTG GAA ACT GGG CGT TCC 528  
Ala Ala Gly Val His Arg Tyr Asn His Asn Leu Glu Thr Ala Arg Ser  
165 170 175  
TAT TTC CCT GAA GTT GTC ACC ACT CAT ACA TGG GAA GAG CGC CGC GAA 578  
Tyr Phe Pro Glu Val Val Thr Thr His Thr Trp Glu Glu Arg Arg Glu  
180 185 190  
ACT TTG CGC CTG GTG GCA GAA CCT GCA ATG GAA GTC TGT ICC GGC GGA 624  
Thr Leu Arg Leu Val Ala Glu Ala Gly Met Glu Val Cys Ser Gly Gly  
195 200 205  
ATC TTA GGA ATG GGC GAA ACT TTA GAG CAG CGC GGC GAG TTT GCC GTG 672  
Ile Leu Glu Met Glu Glu Thr Leu Glu Gln Arg Ala Glu Phe Ala Val  
210 215 220  
CAG CTG CGG GAG CTT GAT CCC GAC GAA GTC CGC CCC ATG AAC TTC CTT GAT 720  
Gln Leu Ala Glu Leu Asp Pro Asp Glu Val Pro Met Asn Phe Leu Asp  
225 230 235 240  
CCT CGC CGG CGC ACC CGA TTT GCC GAT AGG AAT GTC TGG ACA GCA GTG 768  
Pro Arg Pro Glu Thr Pro Phe Ala Asp Arg Asn Val Trp Thr Ala Val  
245 250 255  
ACG CTC TGG CCT CAT ATT CCT GCG TTC CGC CGT GCG ATG CCT GAC ACC 818  
Thr Leu Trp Pro His Ile Glu Ala Phe Arg Leu Ala Met Pro His Thr  
260 265 270  
ATG CTT CGT TTT CCT GGC GGT CGC GAG CTG ACT TTG GGC GAC AAG GCT 864  
Met Leu Arg Phe Ala Glu Gly Arg Glu Leu Thr Leu Glu Asp Lys Gly  
275 280 285  
TCC GAG CAA GCC CTC CTG GGA GGC ATC ATT GCG ATG ATC ATC GTC GAA AAC 912  
Ser Glu Glu Ala Leu Leu Glu Glu Ile Asn Ala Met Ile Val Glu Asn  
290 295 300  
TAC CTG ACC ACG CTG GGC CGC CCA ATG GAA GAT GAC CTC GAC ATG ATG 960

30 【化6】

Tyr Leu Thr Ile Leu Glu Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met  
305 310 315 320  
GAA CGT CTC CAG CTG CGC ATC AAA GTC CTT ATT AAG GTC ATC TAA 1005  
Lys Arg Leu Glu Leu Pro Ile Lys Val Leu Asn Lys Val Ile  
325 330

[0029]

[0030] 上記の塩基配列を包含して成る本発明のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片は、天然のコリネ型細菌染色体DNAから分離されたもののみならず、通常用いられるDNA合成装置、例えばベツクマン社製 System-1Plus を用いて合成されたものであつてもよい。

[0031] また、前記の如くプレビパクテリウム・フラバムMJ-233の染色体DNAから取得される本発明のDNA断片は、ビオチンシンセターゼをコードする機能を実質的に損なうことがない限り、塩基配列の一部の塩基が他の塩基と置換されていてもよく又は削除されていてもよく、或いは新たに塩基が挿入されていてもよく、さらに塩基配列の一部が転位されているものであつてもよく、これらの誘導体のいずれもが、本発明のビオ

チンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片に包含されるものである。

[0032] 以上に詳述した大きさが約5.5kb、約3.40kb、約1.7kbのDNA断片の制限酵素による切断点地図を図1に示す。

[0033] 本発明のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(bioB断片)は、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を少くとも含むプラスミドベクターに導入することにより、コリネ型細菌内でビオチンシンセターゼの高発現可能な組換えプラスミドを得ることができる。

[0034] 本発明のbioB断片を導入することができる、コリネ型細菌内での複製増殖機能を司る遺伝子を少くとも含むプラスミドベクターとしては、特願平2-

4212号明細書に開示されているプラスミドpCRY30；特開平2-276575号公報に記載されているプラスミドpCRY21、pCRY2KE、pCRY2KX、pCRY3K7、pCRY3KE、pCRY3KX；特開平1-191686号公報に記載されているプラスミドpCRY2及びpCRY3；特開昭58-67679号公報に記載のpAM330；特開昭58-77895号公報に記載のpHM1519；特開昭58-192900号公報に記載のpAJ655、pAJ611及びpAJ1844；特開昭57-134500号に記載のpCG1；特開昭58-35197号公報に記載のpCG2；特開昭57-183799号公報に記載のpCG4及びpCG11等を挙げることができる。

【0035】中でもコリネ型細菌の宿主ベクター系で用いられるプラスミドベクターとしては、コリネ型細菌内でプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子とコリネ型細菌内でプラスミドの安定化機能を司る遺伝子とをもつものが好ましく、例えばプラスミドpCRY30、pCRY21、pCRY2KE、pCRY2KE、pCRY2KX、pCRY3K7、pCRY3KE、pCRY3KXが好適に使用される。

【0036】上記プラスミドベクター-pCRY30を調製する方法としては、プレビバクテリウム・スタチオニス (*Brevibacterium stationis*) IFO12144 (FERM BP-2515) からプラスミドpBY503 DNAを抽出 (このプラスミドの詳細は特開平1-95785号公報参照) し、制限酵素XbaIで大きさが約4.0kbのプラスミドの複製増殖機能を司る遺伝子を含むDNA断片を切り出し、制限酵素EcoRIおよびKpnIで大きさが約2.1kbのプラスミドの安定化機能を司る遺伝子を含むDNA断片を切り出す。これらの両断片をプラスミドpHSG298 (宝酒造製) のEcoRI、KpnI部位及びSalI部位に組み込むことにより、プラスミドベクター-pCRY30を調製することができる。

【0037】次に、上記プラスミドベクターへの本発明のb1oB断片の導入は、例えばプラスミドベクター中に1個所だけ存在する制限酵素部位を、該制限酵素で開裂し、そこに前記b1oB断片を必要に応じてS1ヌクレアーゼで処理して平滑末端とするか、または適当なアダプタ-DNAの存在下にDNAリガーゼ処理で連結させることにより行うことができる。

【0038】プラスミドpCRY30への本発明のb1oB断片の導入は、プラスミドpCRY30を制限酵素EcoRIで開裂させ、そこに前記ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片 (b1oB断片) をS1ヌクレアーゼで処理することにより平滑末端とした後、DNAリガーゼで連結させることにより行うことができる。

【0039】このようにして造成されるプラスミドpC 50

RY30に本発明のb1oB断片を導入した組換えプラスミドは、ビオチンシンセターゼの製造に好適に用いることができる組換えプラスミドの一つであり、本発明者はこれをプラスミドpCRY30-b1o2と命名した。プラスミドpCRY30-b1o2の作成方法の詳細については、後記実施例4及び5で説明する。

【0040】このプラスミドpCRY30-b1o2の制限酵素切断点地図を図2に示す。このようにして造成されるビオチンシンセターゼ遺伝子を含むコリネ型細菌内で複製増殖可能なプラスミドを、宿主微生物に導入し培養することにより、ビオチンシンセターゼを安定に効率よく生産することが可能となる。

【0041】本発明によるプラスミドで形質転換しうる宿主微生物としては、コリネ型細菌、例えばプレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497)、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233-AB-41 (FERM BP-1498)、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233-ABT-11 (FERM BP-1500)、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233-ABD-21 (FERM BP-1499) 等が挙げられる。

【0042】なお、上記のFERM BP-1498の菌株は、FERM BP-1497号の菌株を親株としてDL- $\alpha$ -アミノ酪酸耐性を積極的に付与されたエタノール活性化微生物である (特公昭59-28398号公報第3~4欄参照)。また、FERM BP-1500号の菌株は、FERM BP-1497の菌株を親株としたL- $\alpha$ -アミノ酪酸トランスマニナーゼ高活性変異株である (特開昭62-51998号公報参照)。さらに、FERM BP-1499の菌株はFERM BP-1497の菌株を親株としたD- $\alpha$ -アミノ酪酸デアミナーゼ高活性変異株である (特開昭61-177993号公報参照)。

【0043】これらの微生物の他に、プレビバクテリウム・アンモニアゲネス (*Brevibacterium ammoniagenes*) ATCC6871、同ATCC13745、同ATCC13746、プレビバクテリウム・デバリカタム (*Brevibacterium divaricatum*) ATCC14020、プレビバクテリウム・ラクトファーメンタム (*Brevibacterium lactofermentum*) ATCC13869、コリネバクテリウム・グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*) ATCC31831等を宿主微生物として用いることもできる。

【0044】なお宿主としてプレビバクテリウム・フラバムMJ-233由来の菌株を用いる場合、本菌株が保有するプラスミドpBY502 (特開昭63-36787号公報参照) のため、形質転換が困難である場合があるので、そのような場合には、本菌株よりプラスミドpBY502を除去することが望ましい。そのようなプラスミドpBY502を除去する方法としては、例えば、

継代培養を繰り返すことにより、自然に消失させることも可能であるし、人为的に除去することも可能である [Bact. Rev. 36 p. 361~405 (1972) 参照]。上記プラスミドpBY502を人为的に除去する方法の一例を示せば次のとおりである。

【0045】宿主プレビパクテリウム・フラバムMJ-233の生育を不完全に阻害する濃度のアクリジンオレンジ (濃度: 0.2~5.0 µg/ml) もしくはエチジウムプロミド (濃度: 0.2~5.0 µg/ml) 等を含む培地に、1ml当たり約10細胞になるように植菌し、生育を不完全に阻害しながら、約24時間約35°Cで培養する。培養液を希釈後寒天培地に塗布し、約35°Cで約2日培養する。出現したコロニーから各々独立にプラスミド抽出操作を行い、プラスミドpBY502が除去されている株を選択する。この操作によりプラスミドpBY502が除去されたプレビパクテリウム・フラバムMJ-233由来菌株が得られる。

【0046】このようにして得られるプレビパクテリウム・フラバムMJ-233由来菌株への前記プラスミドの形質転換法としては、エシエリヒア・コリ及びエルビニア・カロトボラについて知られているように [Calvin, N.M. and Hanawalt, P.C., Journal of Bacteriology, 170, 2796 (1988); Ito, K., Nishida, T. and Izaki, K., Agricultural and Biological Chemistry, 52, 293 (1988) 参照]、DNA受容菌にパルス波を通電することによりプラスミドを導入することが可能である。

【0047】上記の方法で形質転換して得られるビオチンシンセターゼ産生能を有するコリネ型細菌、例えばプレビパクテリウム・フラバムMJ-233由来株の培養方法を以下に述べる。

【0048】培養は炭素源、空素源、無機塩等を含む通常の栄養培地で行うことができ、炭素源としては、例えばグルコース、エタノール、メタノール、魔糖蜜等が、そして空素源としては、例えばアンモニア、硫酸アンモニウム、塩化アンモニウム、硝酸アンモニウム、尿素等がそれぞれ単独もしくは混合して用いられる。また無機塩としては、例えばリン酸一水素カリウム、リン酸二水素カリウム、硫酸マグネシウム等が用いられる。この他にペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンステイプルカーラー、カザミノ酸、ビオチン等の各種ビタミン等の栄養を培地に添加することができる。

【0049】培養は、通常、通気攪拌、振盪等の好気的条件下に、約20~40°C、好ましくは25~35°Cの温度で行うことができる。培養途中のpHは5~10、好ましくは7~8付近で行い、培養中のpHの調整は酸又はアルカリを添加して行うことができる。

【0050】培養開始時の炭素源濃度は、好ましくは1~5容量%、更に好ましくは2~3容量%である。また、培養期間は通常1~7日間とすることができ、最適

期間は3日間である。

【0051】このようにして得られる培養物から遠心分離等により菌体を取得することができる。

【0052】かくして培養された菌体は、野生株を培養した場合に比べて、ビオチンシンセターゼをその菌体内に多量含有している。菌体内に產生された、ビオチンシンセターゼの含量を調べる方法としては、例えば超音波処理、酵素処理、ホモジナイス等の通常用いられる手段にて破碎し得られる無細胞抽出液を、SDSゲル電気泳動法 [例えば、「蛋白質・酵素の基礎実験法」南江堂刊、314~333頁等参照] に付することにより、菌体内の蛋白質を分離した後、Coomassie Brilliant Blue R-250による染色法あるいは、銀染色法により染色した後、例えばアルマシア社製 Ultra Scan XL レーザーデンシトメーターを用いることにより、菌体内の各種タンパク質量を測定することができる。かくして、菌体内に產生された、ビオチンシンセターゼ含量の増加を測定することができる。

【0053】上記の如くビオチンシンセターゼを高含量含む菌体を用いることにより、少なくともデスチオビオチンを含有する前記通常の栄養培地で培養することにより、高効率でビオチンを製造することができる。

【0054】本明細書では、プレビパクテリウム・フラバムMJ-233からビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (b10B) を含むDNA断片を単離し、該DNA断片を導入した組換えプラスミドを同じくプレビパクテリウム・フラバムMJ-233由来株へ導入し、該微生物によるビオチンシンセターゼの生産能の向上について主として詳述したが、プレビパクテリウム・フラバムMJ-233由来株の代りに前記した他のコリネ型細菌を用いても本発明の目的は達成される。

【0055】いわゆるコリネ型細菌は、コリネパクテリウム属やプレビパクテリウム属等の種々の属名、種々の菌名が付されているが主な菌学的性質を同じくしている。これらの菌群は、細胞壁のアミノ酸構成やDNAの塩基組成が同一的であり、菌種間には70~80%のDNAの相同性があり、非常に近縁な微生物であることは明らかである (Report of the Fermentation Research Institutes No. 55, p 1~5, 1980, International Journal of Systematic Bacteriology Vol 31, p 131~138, 1981 参照)。

【0056】また、ビオチン要求性のコリネ型細菌、例えばプレビパクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497)、プレビパクテリウム・ラクトファーメンタムATCC13869およびコリネパクテリウム・グルタミカムATCC31831について、ビオチン生合成に関与する各ステップの遺伝子が欠損したビオチン要求性大腸菌変異株 (Journal of Bacteriology, vol 112, p 830~839, 1972 および Journal of Bacteriology, vol 94, p 2065~20

66、1967参照)との交差相補性試験 (Journal of Bacteriology, vol 96, p 515-524, 1968参照)により、そのビオチン合成系路について検討した結果、これら3種の菌株は同様にビメリルCoAシンセターゼをコードする遺伝子 (bioC) および7-ケト-8-アミノペラルゴン酸シンセターゼをコードする遺伝子 (bioF) が欠損しており、また少くとも7, 8-ジアミノペラルゴン酸アミノトランスフェラーゼをコードする遺伝子 (bioA)、デスチオビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (bioD) およびビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を保有していることが明らかとなつた。これらの事実を踏まえれば、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233のみならず、コリネ型細菌全般から単離されたビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (bioB) を含むDNA断片も本発明の範囲に含まれ、また、本発明のプラスミドで形質転換し得る宿主微生物は、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233に限らず、コリネ型細菌が全て含まれることは明らかである。

## 【0057】

【実施例】以上に本発明を説明してきたが、下記の実施例によりさらに具体的に説明する。しかしながら、実施例は本発明の具体的に認識を得る一助とみなすべきものであり、本発明の範囲を限定するためのものでないことを理解しなければならない。

## 【0058】

【実施例1】コリネ型細菌とビオチン要求性大腸菌変異株との相補性試験

(A) コリネ型細菌を含有するビオチン欠乏最少培地ブレートの作製

半合成培地A培地 [組成: 尿素 2g、(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 7g、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.5g、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0.5g、MgSO<sub>4</sub> 0.5g、FeSO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 6mg、MnSO<sub>4</sub> 4~6H<sub>2</sub>O 6mg、酵母エキス 2.5g、カザミノ酸 5g、ビオチン 200 μg、塩酸チアミン 200 μg、グルコース 20g、純水 1L] 1Lに、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) を植菌して、O.D. が約 2.9 になるまで培養し、菌体を集め、得られた菌体を BM緩衝液 [組成: 尿素 2g、(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 7g、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.5g、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0.5g、MgSO<sub>4</sub> 0.5g] で 2 回洗浄した。この菌体を 10 mL の BM緩衝液に懸濁し、その内 1 mL を、滅菌後、50℃に放置しておいたビオチン検定用 C 培地 (尿素 0.2%、硫酸アンモニウム 0.7%、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0.05%、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.05%、MgSO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 0.05%、FeSO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 6 ppm、MnSO<sub>4</sub> 4~6H<sub>2</sub>O 6 ppm、チアミン・HCl 100 μg/L、ビタミン・アツセイ用カザミノ酸 0.1%、グルコース 0.2%、寒天 1.0%) に添加し、搅拌後、ブレートに流し、固化した。

【0059】同様にして、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) の代わりに、プレビバクテリウム・ラクトフアーメンタム ATCC 13869、あるいは、コリネバクテリウム・グルタミカム ATCC 31831 を用いて各種のコリネ型細菌を含んだビオチン欠乏最少培地ブレートを作製した。

## (B) ビオチン要求性大腸菌変異株との相補性試験

ビオチン合成系路の各ステップの欠損したビオチン要求性大腸菌変異株と各種コリネ型細菌との相補性試験により、各種コリネ型細菌のビオチン合成系路を推定することができる。

【0060】上記 (A) で作製した、3種のコリネ型細菌含有ビオチン欠乏最少培地のブレートに、各種ビオチン要求性大腸菌変異株を線状に植菌した。用いたビオチン要求性大腸菌変異株は、エシエリヒア・コリ (Escherichia coli) R 873 (bioA4)、同 R 874 (bioF12)、同 R 875 (bioB17)、同 R 876 (bioC18)、同 R 877 (bioC19) である [( ) 内は各菌株の遺伝子型 (Genotype) を示す。またこれらの菌株の詳細および取得方法については、Journal of Bacteriology, vol 94, p 2065-2066 (1967)、Journal of Bacteriology, vol 112, p 830-839 (1972) 参照]。

【0061】これらのビオチン要求性大腸菌変異株とコリネ型細菌が相補した場合は、コリネ型細菌がビオチン欠乏最少培地のブレート中に生育し、黄色いコロニーを形成する。各種ビオチン要求性大腸菌変異株に対応するコリネ型細菌のコロニー形成の有無により、コリネ型細菌がビオチン合成に関与する遺伝子のどの部分を欠損し、その部分を保有しているか容易に判別することができる。

【0062】本相補試験の結果、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497)、プレビバクテリウム・ラクトフアーメンタム ATCC 13869、コリネバクテリウム・グルタミカム ATCC 31831 は、各菌株共、エシエリヒア・コリ R 873 (bioA4)、同 R 875 (bioB17)、同 R 877 (bioD19) を相補したが、同 R 874 (bioF12)、同 R 876 (bioC18) を相補しなかつた。即ち、各々のコリネ型細菌は、少なくとも、同様に 7, 8-ジアミノペラルゴン酸アミノトランスフェラーゼをコードする遺伝子 (bioA)、デスチオビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (bioD) およびビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (bioB) を有していることが明らかとなつた。

## 【0063】

【実施例2】プレビバクテリウム・フラバムMJ-233 由来のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (bioB) を含むDNA断片のクローニング

(A) プレビバクテリウム・フラバムMJ-233 の全

## DNAの抽出

半合成培地A培地【組成：尿素2g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  7g、 $\text{K}_2\text{HPO}_4$  0.5g、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$  0.5g、 $\text{MgSO}_4$  0.5g、 $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  6mg、 $\text{MnSO}_4$  4~6 $\text{H}_2\text{O}$  6mg、酵母エキス2.5g、カザミノ酸5g、ビオチン200 $\mu\text{g}$ 、塩酸チアミン200 $\mu\text{g}$ 、グルコース20g、純水1l】1lに、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233 (FERM BP-1497) を対数増殖期後期まで培養し、菌体を集めた。得られた菌体を10mg/mlの濃度にリゾチームを含む10mM NaCl-20mMトリス緩衝液(pH8.0)-1mM EDTA-2Na溶液1.5mlに懸濁した。次にプロテナーゼKを、最終濃度が100 $\mu\text{g}/\text{ml}$ になるように添加し、37°Cで1時間保温した。さらにドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度が0.5%になるように添加し、50°Cで6時間保温して容菌した。この溶菌液に、等量のエタノール/クロロホルム溶液を添加し、室温で10分間ゆるやかに振盪した後、全量を遠心分離(5,000×g、20分間、10~12°C)し、上清画分を分取し、酢酸ナトリウムを0.3Mとなるように添加した後、2倍量のエタノールをゆつくりと加えた。水層とエタノール層の間に存在するDNAをガラス棒でまきとり、70%エタノールで洗浄した後、風乾した。得られたDNAに10mMトリス緩衝液(pH7.5)-1mM EDTA-2Na溶液5mlを加え、4°Cで一晩静置し、以後の実験に用いた。

## 【0064】(B) 組換え体の創製

上記(A)項で得たプレビバクテリウム・フラバムMJ-233の全DNA 9.0 $\mu\text{l}$ を制限酵素SacI 3A1 1unitを用い、37°Cで20分間反応させ部分分解した。この部分分解DNAにコスミドpWE15(ストラダジーン社製)を制限酵素BamHIで切断した後、脱リン酸化処理したものを混合し、50mMトリス緩衝液(pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl<sub>2</sub>及びT4DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し(各成分の濃度は最終濃度である)、4°Cで15時間反応させ、結合させた。

## 【0065】(C) ビオチン合成に関与する酵素をコードする遺伝子を含むコスミドの選抜

上記(B)項で得たコスミド混液を用い、前記エシリヒア・コリR875(bioB17)株を形質導入し、アンピリシン50mgを含む選択培地【K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 7g、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$  2g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  1g、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  0.1g、カザミノ酸10g、グルコース2g及び寒天16gを蒸留水1lに溶解】に塗沫した。なお形質導入には、宝酒造より販売されているλDNA *in vitro* Packaging Kitを用いて行つた。培地上の生育株を常

10

20

30

40

法により、液体培養し、培養液よりコスミドDNAを抽出し、該コスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、コスミドpWE15の長さ8.8kbのDNA断片に加え、長さ約3.0kbのDNA断片が認められた。本コスミドをpWE15-b1o2と命名した。

【0066】(D) ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(b1oB断片)のプラスミドpHSG399へのサブクローニング

上記(C)項で得たコスミドpWE15-b1o2に含まれるDNA挿入断片は約3.0kbと大きく、実用的でないで、得られた断片のうち必要な部分だけに小型化するために、プラスミドpHSG399(宝酒造より市販)ヘビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を下記のとおりサブクローニングした。

【0067】上記(C)項で得たコスミドpWE15-b1o2を制限酵素HindIIIで切断したものと、プラスミドpHSG399を制限酵素HindIIIで切断したものを混合し、50mMトリス緩衝液(pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl<sub>2</sub>及びT4DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し(各成分の濃度は最終濃度である)、12°Cで15時間反応させ、結合させた。

【0068】得られたプラスミド混液を用い、塩化カルシウム法(Journal of Molecular Biology, 53, 159, 1970)によりエシリヒア・コリR875(bioB17)株を形質転換し、クロラムフェニコール50mgを含む選択培地【K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 7g、 $\text{KH}_2\text{PO}_4$  2g、 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  1g、 $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  0.1g、カザミノ酸10g、グルコース2g及び寒天16gを蒸留水1lに溶解】に塗沫した。

【0069】この培地上の生育株を常法により液体培養し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpHSG399の長さ2.2kbのDNA断片に加え、長さ約5.5kbの挿入DNA断片が認められた。各種の制限で切断したときの、長さ約5.5kbのDNA断片の制限酵素認識部位数および切断断片の大きさは前記表1に示したとおりであつた。このDNA断片の制限酵素切断点地図を図1に示す。

【0070】また上記で得たプラスミドを各種制限酵素で切断して、切断断片の大きさを測定した。その結果を下記の表4に示す。

## 【0071】

## 【表4】

表4 プラスミドpHSG399-b1oB5.5

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ (kb)
HindIII	2	5.5、 2.2
SacI	2	6.0、 1.7

23

Kpn I

2

4.7、3.0

24

上記の制限酵素により特徴づけられるプラスミドをpHSG399-biob5.5と命名した。

【0072】以上により、ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(biob)を含む大きさが約5.5kbのDNA断片(Hind III断片)を得ることができた。

【0073】(E)ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片(biob断片)のプラスミド

pBluescript IIへのサブクローニング

上記(D)項で得たプラスミドpHSG399-biob5.5は、biobを含む長さが約5.5kbの挿入DNA断片を有しているがさらに得られた断片のうち必要な部分だけに小型化するために、プラスミドpBluescript II(ストラタジーン社より市販)へビオチンシンセターゼをコードする遺伝子を含むDNA断片を下記のとおりサブクローニングした。

【0074】上記(D)項で得たプラスミドpHSG399-biob5.5を制限酵素Hind IIIおよびSac Iで切断したものと、プラスミドpBluescript IIを制限酵素Hind IIIおよびSac Iで切断したものを混合し、5.0mMトリス緩衝液(pH7.6)、1.0mMジチオスレイトール、1mM ATP、1.0mM MgCl<sub>2</sub>及びT4 DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し(各成分の濃度は最終濃度である)、12°Cで15時間反応させ\*

\*せ、結合させた。

【0075】得られたプラスミド混液を用い、前記の方  
法に従い前記エシリヒア・コリR875(biob1  
7)株を形質転換し、アンビシリソ50mgを含む選択培  
地[K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 7g, KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 2g, (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>  
1g, MgSO<sub>4</sub> 7H<sub>2</sub>O 0.1g, カザミノ酸10g,  
グルコース2g及び寒天16gを蒸留水1Lに溶解]に  
塗沫した。

【0076】この培地上の生育株を常法により液体培養  
し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミ  
ドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を  
用いて調べたところ、プラスミドpBluescript IIの長  
さ2.95kbのDNA断片に加え、長さ約1.7kbの挿入  
DNA断片が認められた。各種の制限酵素で切断したと  
きの、長さ約1.7kbのDNA断片の制限酵素認識部位  
数および切断断片の大きさは前記表3に示したとおりで  
あつた。このDNA断片の制限酵素切断点地図を図1に  
示す。

【0077】また上記で得たプラスミドを各種制限酵素  
で切断して、切断断片の大きさを測定した。その結果を  
下記の表5に示す。

【0078】

【表5】

表5 プラスミドpBS-biob-HS1.7

制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ(kb)
Hind III	1	4.65
Sac I	1	4.65
Hinc II	1	4.65

上記の制限酵素により特徴づけられるプラスミドをpBS-biob-HS1.7と命名した。

【0079】以上により、ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(biob)を含む大きさが約1.7kbのDNA断片(Hind III-Sac I断片)を得ることができた。

【0080】

【実施例3】ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(biob)の塩基配列の決定実施例2の(E)項で得られたビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(biob)を含む長さが約1.7kbのDNA断片について、

その塩基配列をプラスミドpUC18またはpUC19を用いるジデオキシヌクレオチド酵素法(dideoxy chain termination法)(Sanger, F. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463, 1977)により図2に示した戦略図に従つて決定した。その塩基配列中のオブンリーデングフレームの存在から、ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(biob)は、下記の配列を有する334のアミノ酸をコードする1002の塩基対より構成されていることが判明した。

【0081】

【化7】

25

【配列表】

配列番号: 1

配列の長さ: 1005

配列の型: 横臥

縦の数: 二本縦

トポロジー: 連鎖状

配列の種類: genomic DNA

起源

生物名: ブレビバクテリウム フラバム (*Brevibacterium flava*)

株名: BJ-233

配列の特徴

特徴を表す記号: peptide

存在位置: 1-1002

特徴を決定した方法: 3

配列

ATG ACA ATC CCC ACC ATC CTT GAC ACC GCC CGC ACC CAA GTT CTG 48

Met Thr Ile Pro Ala Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Gln Val Leu

1 5 10 15

GAA CAG GGA ATT GGC CTT ATT CAG CAG CAG TTG ATG SAG GTT CTC ACC 98

Glu Glu Gly Ile Gly Leu Asn Gln Gln Gln Leu Met Glu Val Leu Thr

20 25 30

TTG CCT GAA GAG CAA ATC CCA GAC GAC TTG ATT GAA ATA CCC CAC CAG GTT 144

Leu Pro Glu Glu Cys Ile Pro Asp Leu Met Glu Leu Ala Bts Gln Val

35 40 45

CGG TTG AAG TGG TGT GGA GAG GAA ATC GAG GAA GAG GGC ATT ATT TCC 182

Arg Leu Lys Trp Cys Gly Glu Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser

50 55 60

30 【化8】

[0082]

27

28

CTC AAA ACT GGC GGT TGC CCT GAA GAT TGC CAT TGC TGC TCA CAG TGT 240  
 Leu Lys Thr Gly Gly Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Glu Ser  
 65 70 75 80  
 GGG TTG TTT GAA TCG CGG GIG GCT TCG GTG TGG CTC GAT ATT GCG ATG 288  
 Gly Leu Phe Glu Ser Pro Val Ala Ser Val Trp Leu Asp Ile Pro Asn  
 85 90 95  
 CTG GTT GAA GCC GCT AAA CAG ACC GCA AAA ACT GGC GCT ACC GAA TTC 336  
 Leu Val Glu Ala Ala Lys Glu Thr Ala Lys Thr Gly Ala Thr Glu Phe  
 100 105 110  
 GAT TTC GTC GCC GCA GTC AAC GGG CCT GAT GAG ACG CTC AAG ACC CAG 384  
 Asp Phe Val Ala Ala Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Glu  
 115 120 125  
 CTG GAG GAA GCA GTC GTC CGG ATT CAC TCT GAA GTT GAA ATT GAA GTC 432  
 Leu Glu Glu Ala Val Leu Ala Ile His Ser Glu Val Glu Ile Glu Val  
 130 135 140  
 GCA GCA TCG ATC GGA ACG TTA ATT AAC GAA CAG GIG GAT GTC CTC GGT 480  
 Ala Ala Ser Ile Gly Thr Leu Asn Lys Glu Glu Val Asp Arg Leu Ala  
 145 150 155 160  
 GCT GCC GGC GTG CAC CGC TAG AAC GAT ATT TTG GAA ACT GGG CGT TCC 528  
 Ala Ala Gly Val His Arg Tyr Asn His Asn Leu Glu Thr Ala Arg Ser  
 165 170 175  
 TAT TTG CCT GAA GTT GTC ACC ACT CAT ACA TGG GAA GAG CGC CGC GAA 576  
 Tyr Phe Pro Glu Val Val Thr Thr His Thr Trp Glu Glu Arg Arg Glu  
 180 185 190  
 ACT TTG CGC CTG GTG GCA GAA GCT GGA ATG GAA GTC TGT TCC CGC GGA 624  
 Thr Leu Arg Leu Val Ala Glu Ala Gly Met Glu Val Cys Ser Gly Gly  
 195 200 205  
 ATC TTA GGA ATG GGC GAA ACT TTA GAG CAG CGC GCG GAG TTG CGC GTG 672  
 Ile Leu Gly Met Glu Glu Thr Leu Glu Glu Arg Ala Glu Phe Ala Val  
 30 [化9]

[0083]

29

210	215	220
CAG CTG CCC GAG CTT GAT CCC GAC GAG GTC CCC ATG AAC TTC CTT GAT	720	
Gln Leu Ala Glu Leu Asp Pro Asp Glu Val Pro Met Asp Phe Leu Asp		
225	230	235
CCT CGC CGG GGC ACC CCA TTT GCC GAT AGG AAT GAA TGG ACA GCA GTG	788	
Pro Arg Pro Gly Thr Pro Phe Ala Asp Arg Asp Asp Val Trp Thr Ala Val		
240	245	250
ACE CTC TGG CCT CAT ATT GGT GCG TTC CGC CTT GCG ATG CCT CAC ACC	818	
Thr Leu Ile Pro His Ile Gly Ala Phe Arg Leu Ala Met Pro His Thr		
255	260	265
ATG CTT CGT TTT CCT GGC GGT CGC GAG CTG ACT TTG GGC GAC AAC GGT	864	
Met Leu Arg Phe Ala Gly Gly Arg Glu Leu Thr Leu Gly Asp Lys Gly		
270	275	280
TCC GAG CAA GCA GGC CTC CTG GGA GGC ATC AAT GCG ATG ATC GTC GGA AAC	912	
Ser Glu Gln Ala Leu Leu Gly Gly Ile Asn Ala Met Ile Val Gly Asn		
285	290	295
TAC CTG ACC ACC CTC GGC CGC CCA ATG GAA GAT GAC CTC GAC ATG ATG	980	
Tyr Leu Thr Thr Leu Gly Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met		
300	305	310
GAT CGT CTC CAG CTG CCC ATC AAA GTC CTT AAT AAC GTC ATC TAA	1005	
Asp Arg Leu Gln Leu Pro Ile Lys Val Leu Asp Lys Val Ile		
315	320	325
		330

30

## 【0084】

【実施例4】コリネ型細菌内で複製し安定なプラスミドベクター-pCRY30の作成

(A) プラスミドpBY503の調製

プラスミドpBY503は、プレビパクテリウム・スタチオニス1FO12144 (FERM BP-2515) から分離された分子量約10メガダルトンのプラスミドであり、特開平1-95785号公報に記載のようにして調製した。半合成培地A培地 [尿素2g、(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 7g、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.5g、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0.5g、MgSO<sub>4</sub> 0.5g、FeSO<sub>4</sub>・7H<sub>2</sub>O 6mg、MnSO<sub>4</sub>・4～6H<sub>2</sub>O 6mg、酵母エキス2.5g、カザミノ酸5g、ビチオン200μg、塩酸チアミン200μg、グルコース20g及び純水11] 11に、プレビパクテリウム・スタチオニス1FO12144を対数増殖期後期まで培養し、菌体を集めた。得られた菌体を10mg/mlの濃度にリゾチムを含む緩衝液 [25mMトリス(ヒドロキシメチル)アミノメタン、10mMのEDTA、50mMグルコース] 20mlに懸濁し、37℃で1時間反応させた。反応液にアルカリ-SDS液 [0.2N NaOH、1% (V/V) SDS] 40mlを添加し、緩やかに混和して室温にて15分間静置した。次に、この反応液に酢酸カリウム溶液 [5M酢酸カリウム溶液6.0ml、酢酸11.5ml、純水28.5mlの混合液] 30mlを添加し、充分混和してから氷水中に15分間静置した。

【0085】溶菌物全量を遠心管に移し、4℃で10分間、15,000×gの遠心分離にかけ、上澄液を得た。

【0086】これに等量のエノールークロロホルム液 (エノール:クロロホルム=1:1混和液) を加え懸濁した後、遠心管に移し、室温下で5分間、15,000×gの遠心分離にかけ、水層を回収した。水層に2倍量のエタノールを加え、-20℃で1時間静置後、4℃で10分間、15,000×gの遠心分離にかけ、沈殿を回収した。

【0087】沈殿を減圧乾燥後、TE緩衝液 [トリス10mM、EDTA 1mM; HClにてpH8.0に調整] 2mlに溶解した。溶解液に塩化セシウム溶液 [5倍濃度のTE緩衝液100mlに塩化セシウム170gを溶解させた液] 15mlと10mg/mlエチジウムプロマイド溶液1mlを加えて、密度を1.392g/mlに合わせた。この溶液を12℃で42時間、116,000×gの遠心分離を行つた。

【0088】プラスミドpBY503は紫外線照射により遠心管内で下方のバンドとして見い出される。このバンドを注射器で遠心管の側面から抜きとることにより、プラスミドpBY503を含む分画液を得た。

【0089】次いでこの分画液を等量のイソアミルアルコールで4回処理してエチジウムプロマイドを抽出除去し、その後にTE緩衝液に対して透析を行つた。このようにして得られたプラスミドpBY503を含む透析液に3M酢酸ナトリウム溶液を最終濃度3.0mMに添加した後、2倍量エタノールを加え、-20℃1時間静置した。この溶液を15,000×gの遠心分離にかけてDNAを沈降させ、プラスミドpBY503を50μg得た。

31

【0090】(B) プラスミドベクターpCRY30の作成

プラスミドpHSG298(宝酒造製)0.5μgに制限酵素SalI(5units)を37℃1時間反応させ、プラスミドDNAを完全に分解した。

【0091】前記(A)項で調製したプラスミドpBY503の2μgに制限酵素Xhol(1unit)を37℃で30分間反応させ、プラスミドDNAを部分分解した。

【0092】両者のプラスミドDNA分解物を混合し、制限酵素を不活性化するために65℃で10分間加熱処理した後、該失活溶液中の成分が最終濃度として各々50mMトリス緩衝液pH7.6、10mM MgCl<sub>2</sub>、10mMジチオスレイトール、1mM ATP及びT4DNAリガーゼ1unitになるように各成分を強化し、16℃で15時間保湿した。この溶液を用いてエシエリヒア・コリJM109コンピテントセル(宝酒造製)を形質転換した。

【0093】形質転換株は30μg/ml(最終濃度)のカナマイシン、100μg/ml(最終濃度)のIPTG(イソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド)100μg/ml(最終濃度)のX-gal(5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリル-β-D-ガラクトピラノシド)を含むし培地(トリプトン10g、酵母エキス5g、NaCl 5g及び純水1l、pH7.2)で37℃にて24時間培養し、生育株として得られた。これらの生育株のうち、白いコロニーで生育してきたものを選択し、各々プラスミドをアルカリ-SDS法[T. Maniatis, E. F. Fritsch, J. Sambrook, "Molecular cloning" (1982) p90~91参照]により抽出した。

【0094】その結果、プラスミドpHSG298のSalI部位にプラスミドpBY503由来の約4.0kbの断片が挿入されたプラスミドpHSG298-oriが得られた。

【0095】次に同様の方法を用い、前記(A)項で得られたプラスミドpBY503DNAを制限酵素KpnI及びEcoRIにて処理して得られる約2.1kbのDNA断片を上記プラスミドpHSG298-oriのKpnI及びEcoRI部位にクローニングし、プラスミドベクターpCRY30を調製した。

【0096】

【実施例5】プラスミドpCRY30-b1o2の作成及びコリネ型細菌への導入

実施例2の(E)項で得られたプラスミドpBS-b1oB-HS 1.75μgを制限酵素HindIII及びSacIを各々5unitづつ用い、37℃で1時間反応させ

10

20

30

30

40

32

分解したもののと、実施例4の(B)項で得られたプラスミドpCRY30 1μgを制限酵素EcoRI 1unitを用い、37℃で1時間反応させ分解したものを混合し、S1ヌクレアーゼで処理することにより平滑末端とした後、50mMトリス緩衝液(pH7.6)、10mMジチオスレイトール、1mM ATP、10mM MgCl<sub>2</sub>、およびT4DNAリガーゼ1unitの各成分を添加し(各成分の濃度は最終濃度である)、12℃で15時間反応させ結合させた。このプラスミドを用いて、前記方法に従いエシエリヒア・コリR875(b1oB17)株を形質転換し、カナマイシン50μg/mlを含む選択培地[K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 7g, KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 2g, (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 1g, MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O 0.1g, カザミノ酸10g、グルコース2g及び寒天16gを蒸留水1lに溶解]に塗抹した。

【0097】この培地上の生育株を常法により液体培養し、培養液よりプラスミドDNAを抽出し、該プラスミドを制限酵素により切断し、アガロースゲル電気泳動を用いて調べたところ、プラスミドpCRY30の長さ8.6kbのDNA断片に加え、大きさ1.7kbの挿入DNA断片が認められた。

【0098】上記の如く調製されたプラスミドDNAを、コリネ型細菌へ形質転換した。

【0099】形質転換は、電気パルス法を用いて行つたブレビパクテリウム・フラバムMJ-233(FERM BP-1497)プラスミドpBY502除去株を100mlの前記A培地で対数増殖初期まで培養し、ベニシリンGを1ユニット/mlになるように添加して、さらに2時間振盪培養し、遠心分離により菌体を集め、菌体を20mlのパルス用溶液(27.2mM Sucrose, 7mM KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>、1mM MgCl<sub>2</sub>: pH7.4)にて洗浄した。さらに菌体を遠心分離して集め、5mlのパルス用溶液に懸濁し、0.75mlの細胞と、前記で得られたプラスミドDNA溶液50μlとを混合し、水中にて20分間静置した。ジーンパルサー(バイオラド社製)を用いて、2500ボルト、25μFDに設定し、パルスを印加後水中に20分間静置した。全量を3mlの前記A培地に移し30℃にて1時間培養後、カナマイシン15μg/ml(最終濃度)を含む前記A寒天培地に植菌し30℃で2~3日間培養した。出現したカナマイシン耐性株より、前記実施例4(A)項に記載の方法を用いてプラスミドを得た。このプラスミドを各種制限酵素で切断して、切断断片の大きさを測定した。その結果を下記の表6に示す。

【0100】

【表6】

表6 プラスミドpCRY30-b1o2		
制限酵素	認識部位数	切断断片の大きさ(kb)
XbaI	1	10.3
BamH I	1	10.3

33

34

Kpn I	1	10.3
Sac I	1	10.3
Sph I	2	8.6, 1.7

上記制限酵素により特徴づけられるプラスミドをpCRY30-b1o2と命名した。このプラスミドpCRY30-b1o2の制限酵素地図を図3に示す。なお、プラスミドpCRY30-b1o2により形質転換されたプレビバクテリウム・フラバムMJ-233-b1o2は、茨城県つくば市東1丁目1番3号の工業技術院微生物工業技術研究所に、平成3年2月26日付で：微生物菌寄第12040号(FERM P-12040)として寄託されている。

#### 【0101】

【実施例6】プラスミドpCRY30-b1o2の安定性

前記のA培地100mlを500ml容三角フラスコに分注し、120℃で15分間滅菌処理したものに、実施例5で得た形質転換株MJ-233-b1o2を植菌し、30℃にて24時間振盪培養を行つた後、同様にして調製したA培地100mlを500ml容三角フラスコに分注し、120℃で15分間滅菌したものに、1ml当たり50cellsの割合になるように植菌し、同じく30℃にて24時間振盪培養を行つた。次に遠心分離して集菌し、菌体を洗浄後、カナマイシンを15μg/mlの割合で添加したA培地及び無添加のA培地を用いて調製した平板培地に一定量塗抹し、30℃にて1日培養後生育コロニーをカウントした。

【0102】この結果、カナマイシン添加および無添加培地に生育したコロニーは同数であること、さらにA培地生育コロニーは全てカナマイシン添加培地に生育すること、すなわち該プラスミドの高度の安定性を確認した。

#### 【0103】

【実施例7】ビオチンシンセターゼの製造

培地(尿素0.2%、硫酸アンモニウム0.7%、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 0.05%、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 0.05%、MgSO<sub>4</sub>・7H<sub>2</sub>O 0.05%、FeSO<sub>4</sub>・7H<sub>2</sub>O 6ppm、MnSO<sub>4</sub>・4～6H<sub>2</sub>O 6ppm、チアミン・HCl 100μg/l、及びビオチン200μg/l)100mlを500ml容三角フラスコに分注、滅菌(滅菌後pH7.0)した後、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233-b1o2株を植菌し、無菌的にグルコースを最終濃度2% (V/V)なるように加え、30℃にて3日間振とう培養を行つた。

【0104】対照としてプラスミドpCRY30-b1o2を保持しないプレビバクテリウム・フラバムMJ-233株を植菌し、同様に培養を行つた。

【0105】培養液をベツクマン遠心機 Model J 2-21を用いて、8000rpmで10分間、遠心し、菌体

10

20

30

40

50

を集菌する。本試験菌体約5mgに、0.5M Tris-HCl (pH6.8)を0.125ml、10% (V/V) SDSを0.200ml、β-メルカプトエタノールを0.050mlを添加し、水で全量を1.0mlに合わせる。この試料液を沸騰水中で約3分間処理する。上記の試料液1mlに対して、0.05% (V/V) BPPと70% (V/V) グリセロールを含む10mMリン酸ナトリウム緩衝液(pH7.0)の0.1mlを加えたものを泳動用試料液とする。

【0106】試料液を「第一化学薬品(株)」製SDS-PAGEプレート10/20-1010を用い、試料を5μlアプライした後、60mAの定電流で、約60分間泳動する。

【0107】Coomassie Brilliant Blue R-250の0.25% (V/V) (正味の濃度)を含むエタノール-酢酸-水(9:2:9, V/V)混液にゲルプレートを浸して分離ゲル中の試料蛋白質の染色を行う。室温で約6時間染色した後、エタノール、酢酸、水(25:8:65, V/V)混液(脱色液)に浸し、軽く振盪し、直ちに、新しい脱色液と交換する。以後は、約1時間ごとに新しい脱色液と交換する。この脱色操作を分離ゲル中の蛋白質のバンドがかなり明瞭に見えるようになるまで繰り返す(3～5時間)。つぎに、分離ゲルをメタノール-酢酸-水(10:15:175, V/V)混液(保存液)に浸して、蛋白質の存在していない部分(バツクグランド)を完全に脱色する。かくして、ゲル上に分子量約3万のタンパク質のバンドとして染色されていることにより、ビオチンシンセターゼが菌体内で產生されていることを確認することができる。このバンドの濃度を、フルマシア社製「Ultra Scan XLレーザーデンシトメーター」を用いて、測定した結果、プレビバクテリウム・フラバムMJ-233-b1o2株中に含まれるビオチンシンセターゼの含量は、pCRY30-b1o2を保持しないプレビバクテリウム・フラバムMJ-233株に比べて、約5倍に上昇していることが明らかとなつた。

#### 【0108】

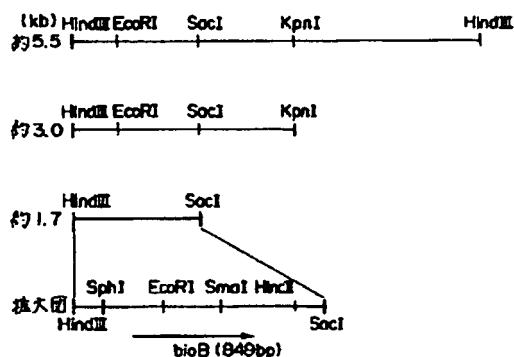
【発明の効果】本発明の新規なDNA断片は、コリネ型細菌のビオチン生合成に関与する酵素にうち、ビオチンシンセターゼをコードする遺伝子(b1oB)を含むDNA断片であり、該DNA断片を含む本発明のプラスミドを用いることにより、コリネ型細菌に属する微生物の遺伝子操作による改良が可能となる。

【0109】また、このようにして改良された本発明のコリネ型細菌に属する微生物を培養することにより、微生物菌体内でビオチンシンセターゼの產生が増加し、該酵素の菌体内への高度蓄積が可能となる。

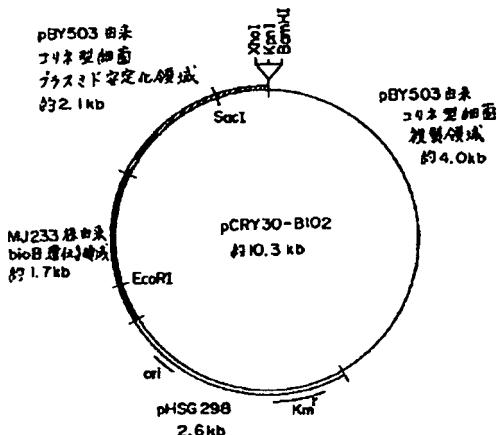
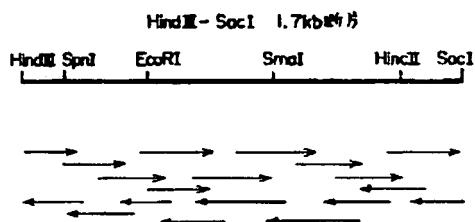
## 【図面の簡単な説明】

【図1】 本発明のビオチンシンセターゼをコードする遺伝子 (bioB) を含むDNA断片の制限酵素による切断点地図。

【図1】



【図2】



## フロントページの続き

(51) Int. Cl. 5  
 // (C 1 2 N 15/52  
 C 1 2 R 1:13)  
 (C 1 2 N 15/52  
 C 1 2 R 1:15)  
 (C 1 2 N 1/21  
 C 1 2 R 1:13)  
 (C 1 2 N 1/21  
 C 1 2 R 1:15)  
 (C 1 2 N 9/00  
 C 1 2 R 1:13)  
 (C 1 2 N 9/00

識別記号

庁内整理番号

F 1

技術表示箇所

C 1 2 R 1:15)

(72)発明者 小林 幹  
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号三  
菱油化株式会社筑波総合研究所内

(72)発明者 久留主 泰朗  
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号三  
菱油化株式会社筑波総合研究所内  
(72)発明者 湯川 英明  
茨城県稲敷郡阿見町中央8丁目3番1号三  
菱油化株式会社筑波総合研究所内